

Modelagem do Covid-19 na Argentina

Kenner de Azevedo e Marcos Antônio Alves

Setembro de 2020

Introdução

[1]

No final de 2019, foi identificado uma nova doença na China denominada Covid-19. Devido a seu grande potencial de contágio e expansão pelo mundo, em 11 de março de 2020 a organização Mundial da Saude(OMS) o declarou como pandemico. Na Argentina, o primeiro caso foi confirmado em 5 de março 2020.

Os principais meios de prevenção, uma vez que não se tem ainda uma vacina para a doença, são isolamento social, cuidados higiênicos, uso de mascara e evitar viagens ou aglomerações. Não foi diferente na Argentina, que segundo o artigo citado em anexo, teve um impacto na saúde mental da população. O estudo teve duas etapas, com a aplicação de questionários em cada uma delas de modo a coletar dados que fornece-se informações a respeito da saúde mental e estado de enfrentamento dos participantes frente ao isolamento social e também a doença.

Os resultados são claros, nos dados são observados grandes proporções de sentimentos relacionados a medo, higiene, ansiedade, preocupação, tristeza, etc. É evidente, que a longo prazo, não só preocupação com contágio deve ser levada em conta, mas também a saúde física e mental da população bem como a economia.

1 Dialnet Evaluacion Del Riesgo De Propagacion De Epidemias Ganaderas mediante simulacion matematica

[2]

Este artigo basicamente nós traz um apanhado historico de como se iniciou o processo de modelagem e como surgiram os modelos mais famosos e estudados atualmente. Primeiro, sobre a epidemiologia. É uma área que estuda o processo de propagação de doenças entre suscetíveis e infectados (a palavra suscetível será de grande importancia na hora de compor os modelos compartimentais), e de fato, a epidemiologia não só tem um objetivo academico de produzir conhecimento, mas tambem tem a finalidade de tomar medidas cabiveis de forma a erradicar o espalhamento do vetor em si, uma vez que todo o trabalho fora concluido e pode-se tirar varias conclusões acerca de comportamento, pontos criticos etc da doença. Um dos primeiros estudos a cerca de propagação de enfermidades foi dirigido por Daniel Bernoulli, que era professor de Anatomia e Matematica na universidade de Basilea. Ele propos um primeiro tratado em 1770 sobre a epidemia da varíola. Mas foi no século 20 onde apareceram os modelos mais importantes do atualidade.

Em 1906, William Hamer propos a lei de ação massiva, que basicamente estabelecia uma relação entre o numero de contatos que causam infecção é proporcional ao número de contatos entre pessoas saudaveis e enfermas. Mas foi com Kermack e McKendrick onde surgiram as primeiras equações diferenciais que modelaram o formato SIR, que serve de base para muitos modelos da atualidade. Cada um desses compartimentos, existe uma certa taxa que leva os individuos para frente. Essas taxas são abstraídas empiricamente dos dados de infecções no local. Veja:



Figure 1: Modelo SIR

Onde suas equações diferenciais podem ser representadas como :

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\beta \frac{SI}{N} \\ \frac{dI}{dt} &= \beta \frac{SI}{N} - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I\end{aligned}$$

2 Occurrence of backward bifurcation and prediction of disease transmission with imperfect lockdown: A case study on Covid-19

[4]

Neste artigo, é considerado um modelo compartimental determinístico para explicar o processo da doença, ele leva em consideração também as principais propriedades epidemiológicas da doença como isolamento, bloqueio etc. A população humana total denotada por $N(t)$ é dividida em seis subpopulações mutuamente exclusivas de S humano suscetível (t), população confinada $L(t)$, indivíduos expostos $E(t)$, infectados não notificados $I(t)$, indivíduos hospitalizados ou isolados $J(t)$ e populações recuperadas $R(t)$, de forma que $N(t) = S(t) + L(t) + E(t) + I(t) + J(t) + R(t)$. O bloqueio nada mais é do que uma porcentagem da população suscetível que foi colocada em quarentena em casa por um determinado período de tempo. O diagrama do modelo está escrito abaixo. Os indivíduos suscetíveis são aqueles que nascem ou imigram para o local em questão. O bloqueio se refere à separação de populações suscetíveis de todas as populações suscetíveis durante a fase de bloqueio, enquanto a hospitalização ou isolamento descreve a separação de indivíduos infectados com COVID-19 quando a população é notificada da infecção sintomática. Aqui, consideramos 1 como um período de bloqueio, l é a taxa de sucesso de bloqueio. A população é reduzida após a infecção, que pode ser transmitida a uma taxa $I/N - J$ (a força da infecção em humanos) por meio do contato efetivo com indivíduos infectados não notificados. Consideramos $0 \leq r \leq 1$, a eficácia do bloqueio, 1 como o período de incubação. Assumimos a taxa de recuperação de indivíduos não notificados e hospitalizados como 1 e 2 respectivamente. Assumindo uma taxa de mortalidade pela doença d de indivíduos hospitalizados e uma taxa de mortalidade natural d de cada seis subpopulações. Veja o modelo compartimental abaixo:

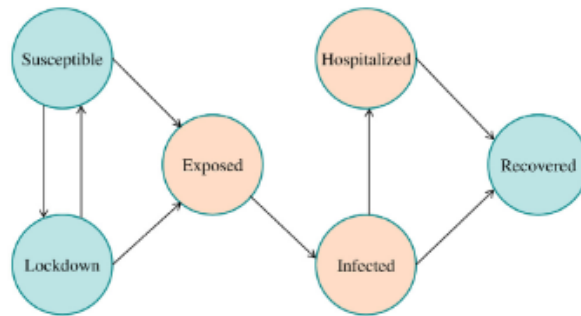


Figure 2: Diagrama retirado do Artigo

Cujas equações diferenciais são:

$$\begin{aligned}
\frac{dS}{dt} &= \Pi + \psi L - \frac{\beta SI}{N-J} - (\mu + \iota)S \\
\frac{dL}{dt} &= \iota S - \frac{r\beta LI}{N-J} - (\mu + \psi)L, \\
\frac{dE}{dt} &= \frac{\beta SI}{N-J} + \frac{r\beta LI}{N-J} - (\gamma + \mu)E, \\
\frac{dI}{dt} &= \gamma E - (\eta + \tau_1 + \mu)I, \\
\frac{dJ}{dt} &= \eta I - (\tau_2 + \delta + \mu)J, \\
\frac{dR}{dt} &= \tau_1 I + \tau_2 J - \mu R.
\end{aligned}$$

Figure 3: Equações diferenciais do diagrama

resultados do estudo : O número de reprodução básico para o modelo proposto é calculado usando o método de matriz de próxima geração. O modelo tem um equilíbrio livre de doença localmente estável sempre que o número de reprodução básico é menor que a unidade. Um estudo detalhado do modelo, baseado no uso da teoria da variedade central, revela a existência do fenômeno da bifurcação reversa, onde dois equilíbrios estáveis, ou seja, o equilíbrio livre de doença e um equilíbrio endêmico coexistem quando o número básico correspondente de reprodução é menor do que a unidade. Este fenômeno de bifurcação para trás deste estudo é muito importante, e isso ocorre apenas em indivíduos com bloqueio imperfeito. Isso basicamente nos diz que a doença irá persistir. O modelo foi ajustado para dados da África do sul, México e Argentina. Os resultados para os tres países foi o mesmo. O número de casos ia diminuindo conforme a quarentena acabava e no fim, quando ocorria a reabertura o número de casos voltava a crescer imediatamente.

3 A numerical simulation of the COVID-19 epidemic in Argentina using the SEIR model

[3]

Esse artigo exibe uma modelagem matemática numérica da pandemia do coronavírus na Argentina, observando dados num período de 108 dias, com

início em 09 de março e final em 24 de junho de 2020. O objetivo deste artigo é oferecer um modelo simples mas razoável para a dinâmica da pandemia na população de Buenos Aires e vizinhança. O modelo SEIR atende nossas necessidades, uma vez que o compartimento de expostos é essencial numa pandemia como essa.

O número de infectados é incerto, por vezes subestimado, portanto não é bom se basear neles para calibrar os parâmetros do modelo, em vez disso foi usado dados mais concretos como o de vítimas fatais.

O parâmetro μ referente a taxa de mortalidade natural foi estimado com base na expectativa de vida da população (76 anos) e a taxa de transmissão por contato β varia com o tempo. O período de tempo foi dividido em 3 períodos, com um β para cada intervalo de tempo.

No dia 08 de abril foi identificado um ponto de inflexão na curva de mortes por dia, possivelmente resultado do lockdown imposto dias antes, além disso nesse mesmo período viu-se uma diminuição razoável do R_0 , de 3,34 para 0,95. Para calibrar os parâmetros um dos métodos utilizados foi o de mínimos quadrados.

Os resultados mostram previsões preocupantes, entre elas o pico de infectados apenas após 240 dias de pandemia.

Modelo

Inicialmente iremos nos basear no modelo SEIR. Este modelo é bastante utilizado em modelagem epidemiológica pois é simples porém eficaz.

A Argentina tem hoje a quarentena mais duradoura do mundo nessa pandemia, neste cenário com quarentena o compartimento dos expostos (aqueles contaminados mas não infecciosos) é determinante na nossa análise, pois a quarentena impede a transmissão do vírus inconscientemente pelos assintomáticos, alterando significativamente nosso cenário.

O modelo:

- **N**: População
- **S**: suscetíveis
- **E**: expostos (infectados mas não infecciosos)
- **I**: Infectados
- **R**: Recuperados

Considere também os parâmetros:

- Δ : Taxa de nascimento na população
- μ : Mortes naturais. Normalmente deduzida pela expectativa de vida
- α : Taxa de fatalidade do vírus
- β : Probabilidade de transmissão por contato
- $1/\gamma$: Período de infecção
- $1/\epsilon$: Período de incubação.

Os parâmetros possuem unidades t^{-1} , onde t é o tempo.

Com isso, podemos montar as equações diferenciais:

$$\frac{dS}{dt} = \Delta - \mu S - \beta I \frac{S}{N} \quad (1)$$

$$\frac{dE}{dt} = \beta I \frac{S}{N} - (\mu + \epsilon) E \quad (2)$$

$$\frac{dI}{dt} = \epsilon E - (\gamma + \mu + \alpha) I \quad (3)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R \quad (4)$$

Podemos também escrever na forma matricial: Seja $X = \{S, E, I, R\}$, então:

$$\frac{dX}{dt} = \begin{bmatrix} -\mu S + \Delta & 0 & -\beta S \frac{I}{N} & 0 \\ \beta S \frac{I}{N} & -(\mu + \epsilon)E & 0 & 0 \\ 0 & \epsilon E & -(\gamma + \mu + \alpha)I & 0 \\ 0 & 0 & \gamma I & -\mu R \end{bmatrix} \quad (5)$$

References

- [1] Emociones, preocupaciones y reflexiones frente a la pandemia del covid-19 en argentina. <https://www.scielo.org/article/csc/2020.v25suppl1/2447-2456/es/>. Acesso: 2020-09-28.
- [2] Evaluación del riesgo de propagación de epidemias ganaderas mediante simulación matemática. <https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=6636693>. Acesso: 2020-09-28.
- [3] A numerical simulation of the covid-19 epidemic in argentina using the seir model. <https://arxiv.org/abs/2005.06297>. Acesso: 2020-09-28.
- [4] Occurrence of backward bifurcation and prediction of disease transmission with imperfect lockdown: A case study on covid-19. <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0960077920305592>. Acesso: 2020-09-28.